

EXONS checked against  
seq ID: 3

> 0 <  
0110 Intelligenetics  
> 0 <

FastDB - Fast Pairwise Comparison of Sequences  
Release 5.4

Results file exons.res made by spaula on Wed 5 Sep 101 9:51:46-PDT.

Query sequence being compared: US-09-784-340-1 (1-2759)  
Number of sequences searched: 7  
Number of scores above cutoff: 7

Results of the initial comparison of US-09-784-340-1 (1-2759) with:  
File: famirez-784.seq

100-  
N -  
U 50-  
M -  
B -  
E -  
R -  
O -  
F 10-  
S -  
E 5-  
Q -  
U -  
N -  
C -  
E -  
S 0-  
SCORE 0 79 157 236 315 393 472 551 629 708  
STDEV 0 0 0 1 1 1 1 1 1 1

PARAMETERS

Similarity matrix Unitary 1 K-tuple 4  
Mismatch penalty 1.00 Joining penalty 30  
Gap size penalty 0.33 Window size 500  
Cutoff score 0  
Randomization group 0

SEARCH STATISTICS

Scores: Mean 223 Median 133 Standard Deviation 231.48  
Times: CPU 00:00:00.00 Total Elapsed 00:00:00.00

Number of residues: 1584  
Number of sequences searched: 7  
Number of scores above cutoff: 7

The scores below are sorted by initial score.  
Significance is calculated based on initial score.

A 100% identical sequence to the query sequence was not found.

The list of best scores is:

Sequence Name Description Length Score Score Init. Opt. Sig. Frame

1. 197-911 \*\*\*\* 2 standard deviations above mean \*\*\*\*  
Sequence 3, Application US/09 715 708 708 0  
2. 18775-19051 \*\*\*\* 0 standard deviation from mean \*\*\*\*  
Sequence 3, Application US/09 277 277 277 0  
3. 18102-18321 Sequence 3, Application US/09 220 220 220 0  
4. 6499-6647 Sequence 3, Application US/09 149 149 149 0  
5. 15413-15544 Sequence 3, Application US/09 132 132 132 0  
6. 17633-17712 Sequence 3, Application US/09 80 66 74 -0.68 0  
7. 16930-16940 Sequence 3, Application US/09 11 11 11 -0.92 0

1. US-09-784-340-1 (1-2759)  
197-911 Sequence 3, Application US/09784340

Sequence 3, Application US/09784340  
GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: WEI, Ming-Hui et al.  
TITLE OF INVENTION: ISOLATED HUMAN DRUG-METABOLIZING  
TITLE OF INVENTION: PROTEINS, NUCLEIC ACID MOLECULES ENCODING HUMAN  
TITLE OF INVENTION: DRUG-METABOLIZING PROTEINS,  
TITLE OF INVENTION: AND USES THEREOF  
FILE REFERENCE: C1000763  
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/784,340  
CURRENT FILING DATE: 2001-02-16  
NUMBER OF SEQ ID NOS: 5  
SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0  
SEQ ID NO 3  
LENGTH: 21000  
TYPE: DNA  
ORGANISM: Human  
FEATURE:  
NAME/KEY: misc-feature  
LOCATION: (1)...(21000)  
OTHER INFORMATION: n = A,T,C or G

Initial Score = 708 Optimized Score = 708 Significance = 2.10  
Residue Identity = 98% Matches = 708 Mismatches = 7  
Gaps = 0 Conservative Substitutions = 0

CAACCATTCAGATCAGTGTGTGAGGAGCACTCCATCATAGCTGTGACAGTCACTTTGATTTTCTCT  
10 20 30 40 50 60 70  
CTGACACCTCTTCTGTGTGCTGTGATTTCTGTGGAAGTCTGTGCTGTGCTGTGACATGAGCCATTTG  
80 90 100 110 120 130 140  
CTGACACCTCTTCTGTGTGCTGTGATTTCTGTGGAAGTCTGTGCTGTGCTGTGACATGAGCCATTTG  
150 160 170 180 190 200 210  
GCTTAATGTCAGAGTCACTTTGATGAGGCTCATAGTGTGAGGCTCATAGTGTGAGGCTCATAGTGTG  
120 130 140 150 160 170  
GCTTAATGTCAGAGTCACTTTGATGAGGCTCATAGTGTGAGGCTCATAGTGTGAGGCTCATAGTGTG  
180 190 200 210 220 230 240 250  
GCCCTTCGTTAATGTCAGAGTCACTTTGATGAGGCTCATAGTGTGAGGCTCATAGTGTGAGGCTCAT  
220 230 240 250 260 270 280 290  
AGAGAAATGAATATATTTGTTGACCTGATGATGTTGACCTGATGATGTTGACCTGATGATGATGATG  
260 270 280 290 300 310 320 330  
AGAGAAATGAATATATTTGTTGACCTGATGATGTTGACCTGATGATGTTGACCTGATGATGATGATG  
340 350 360 370 380 390 400 410 420 430

[illegible]

```

LENGTH: 21000
TYPE: DNA
ORGANISM: Human
FEATURE:
NAME/KEY: misc_feature
LOCATION: (1)...(21000)
OTHER INFORMATION: n = A,T,C or G

Initial Score = 277
Residue Identity = 100%
Gaps = 0

Optimized Score = 277
Matches = 277
Conservative Substitutions = 0

Significance = 0.23
= 0
= 0
= 0

```

CAACCTACTTGTGATTTGTGTGGAGGATTGCACGTATAACCTGCCAAGACTTTGGCTTACAGAAATGGAAT	850	860	870	880	890	900	910
TTGTGCGAGGATTCAGGGGAGAAATGGTATTTGTGTGTTTCTGTGGGGTCACTGGTTTCAAAATGTTTACGAA	920	930	940	950	960	970	980
GAAAGAGCTATATTCATTGTGCTTCAGCCCTTGGCCAGATCCACAGAAAGGTGTTATGTGAGGTACAAAGAGAAA	990	1000	1010	1020	1030	1040	1050
AAACATCCACGATTTAGAGACCCAATACCTCGCTGTATGATGGATATCCCAAGAAATGATCTTTGTGTCATCCC	1060	1070	1080	1090	1100	1110	1120
AAAACCAACACTTTTATTCACCTCATGSGTGAATGAAATGGAGTCTATGAAGCTATTTACCATGAGGGGCTCCATG	1130	1140	1150	1160	1170	1180	1190
GTGGGAGTTCCTCCATTTTGGTGTACGCTTGTATACATADTCACTCATATGAAGCCCAAGAGCAGCTGTACAA	1200	1210	1220	1230	1240	1250	1260
ATAAAGCTTCAAACTATGACACAGCAAGATTACTGAGGGCTTTTGAGAACAGTCAATTACCGATTCCTCTTAT	1270	1280	1290	1300	1310	1320	1330
1340 X	1350	1360	1370	1380	1390	1400	1410
AAAAAGATGCTATGAGATTATTCAGAAATTCACCATGATCAACCTGTAAAGCCCTAGATGACACATCTTC	1420	1430	1440	1450	1460	1470	1480
AAAGGATGCTATGAGATTATTCAGAAATTCACCATGATCAACCTGTAAAGCCCTAGATGACACATCTTC	1490	1500	1510	1520	1530	1540	1550
1560	1570	1580	1590	1600	1610	1620	1630
TGATGATGAGTTTGCATGCGCCACACAAAGAGCCACACACTCTGATACAGTCAGTCAGTCCATGACCTGCTTC	1640	1650	1660	1670	1680	1690	1700
TGATGATGAGTTTGCATGCGCCACACAAAGAGCCACACACTCTGATACAGTCAGTCAGTCCATGACCTGCTTC	1710	1720	1730	1740	1750	1760	1770
TGATGATGAGTTTGCATGCGCCACACAAAGAGCCACACACTCTGATACAGTCAGTCAGTCCATGACCTGCTTC	1780	1790	1800	1810	1820	1830	1840
1850	1860	1870	1880	1890	1900	1910	1920
1930	1940	1950	1960	1970	1980	1990	2000

TGACCTCATATGCTGATTCCTGCTGTTTGACACAAACATGATGATTAAGAAGTAATAAATTC  
 2000 2010 2020 2030 2040 2050 2060  
 ACAAAATTCAGTAAACACACAAATCAATGAGATTCATGACATTAGCTTGTATGAGTAACATAATGAT  
 2070 2080 2090 2100 2110  
 TTTTCCTTTTCAATTTAAATAAGCCCTTCATACATACCAGCATTAATGATCTC

### 3. US-09-784-340-1 (1-2759) Sequence 3, Application US/09784340

GENERAL INFORMATION:  
 APPLICANT: WEI, Ming-Hui et al.  
 TITLE OF INVENTION: ISOLATED HUMAN DRUG-METABOLIZING  
 TITLE OF INVENTION: PROTEINS, NUCLEIC ACID MOLECULES ENCODING HUMAN  
 TITLE OF INVENTION: DRUG-METABOLIZING PROTEINS,  
 FILE REFERENCE: C1000763  
 CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/784,340  
 CURRENT FILING DATE: 2001-02-16  
 NUMBER OF SEQ ID NOS: 5  
 SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0  
 SEQ ID NO 3  
 LENGTH: 21000  
 TYPE: DNA  
 ORGANISM: Human  
 FEATURE:  
 NAME/KEY: misc.feature  
 LOCATION: (1)...(21000)  
 OTHER INFORMATION: n = A,T,C or G

Initial Score = 220 Optimized Score = 220 Significance = -0.01  
 Residue Identity = 100% Matches = 220 Mismatches = 0  
 Gaps = 0 Conservative Substitutions = 0

TATGACGAGCTAACACAGCAATGACCTTTCTGGAAAGTAATAATTCATGCTTTTCTTCCCA  
 630 640 650 660 670 680 690  
 CTCTGATTCAGGATTAACGATATCATTTTGGAGAGATTTATAGTAAGCATTAAGAGGCCACATAC  
 700 710 720 730 740 750 760  
 770 780 790 800 810 820 830  
 ATTATGAGACTGTGGGAAAGCTGAGATATGCTTAATAGCAATATTGGGATTTTGAATTTCTCAACC  
 840 850 860 870 880 890 900  
 ATACCAACCTAATCTGATTTGTTGGAGATTCGACTGTAACCTGCCAAAGCTTGCCTAAGGAATGGA  
 910 920 930 940 950 960 970 980  
 AAATTTGTCAGATTCACGGGAGAGATGTTGTTGCTTTCTGCGGTCACCTGTTCAAAATGTTAC  
 990 1000 1010 1020 1030 1040 1050  
 AGAAGAAAGGCTAATATCATTTGCTTCAGCCCTTGCCAGATCCCAAGAGGTATGAGGTACAAAGG  
 1060 1070 1080 1090 1100 1110 1120 X  
 AAAAAAACCTCCACATTTAGAGGCCAATACCTGCGCTGTATGATTGATACCCAGAAATGATTTCTTGTC  
 1130 1140 1150 1160 1170 1180 1190  
 TCCCAAAACCAAGCTTTTATCTACTATGTTGGAATGATGGAATCATATTAACCATGGGGTCCC  
 1200 1210 1220 1230 1240 1250 1260  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 1270 1280 1290 1300 1310 1320 1330  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 1340 1350 1360 1370 1380 1390 1400  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 1410 1420 1430 1440 1450 1460 1470  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 1480 1490 1500 1510 1520 1530 1540  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 1550 1560 1570 1580 1590 1600 1610  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 1620 1630 1640 1650 1660 1670 1680  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 1690 1700 1710 1720 1730 1740 1750  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 1760 1770 1780 1790 1800 1810 1820  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 1830 1840 1850 1860 1870 1880 1890  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 1900 1910 1920 1930 1940 1950 1960  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 1970 1980 1990 2000 2010 2020 2030  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 2040 2050 2060 2070 2080 2090 2100  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 2110 2120 2130 2140 2150 2160 2170  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 2180 2190 2200 2210 2220 2230 2240  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 2250 2260 2270 2280 2290 2300 2310  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 2320 2330 2340 2350 2360 2370 2380  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 2390 2400 2410 2420 2430 2440 2450  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 2460 2470 2480 2490 2500 2510 2520  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 2530 2540 2550 2560 2570 2580 2590  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 2600 2610 2620 2630 2640 2650 2660  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 2670 2680 2690 2700 2710 2720 2730  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 2740 2750 2760 2770 2780 2790 2800  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 2810 2820 2830 2840 2850 2860 2870  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 2880 2890 2900 2910 2920 2930 2940  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 2950 2960 2970 2980 2990 3000 3010  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 3020 3030 3040 3050 3060 3070 3080  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 3090 3100 3110 3120 3130 3140 3150  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 3160 3170 3180 3190 3200 3210 3220  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 3230 3240 3250 3260 3270 3280 3290  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 3300 3310 3320 3330 3340 3350 3360  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 3370 3380 3390 3400 3410 3420 3430  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 3440 3450 3460 3470 3480 3490 3500  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 3510 3520 3530 3540 3550 3560 3570  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 3580 3590 3600 3610 3620 3630 3640  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 3650 3660 3670 3680 3690 3700 3710  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 3720 3730 3740 3750 3760 3770 3780  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 3790 3800 3810 3820 3830 3840 3850  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 3860 3870 3880 3890 3900 3910 3920  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 3930 3940 3950 3960 3970 3980 3990  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 4000 4010 4020 4030 4040 4050 4060  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 4070 4080 4090 4100 4110 4120 4130  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 4140 4150 4160 4170 4180 4190 4200  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 4210 4220 4230 4240 4250 4260 4270  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 4280 4290 4300 4310 4320 4330 4340  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 4350 4360 4370 4380 4390 4400 4410  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 4420 4430 4440 4450 4460 4470 4480  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 4490 4500 4510 4520 4530 4540 4550  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 4560 4570 4580 4590 4600 4610 4620  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 4630 4640 4650 4660 4670 4680 4690  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 4700 4710 4720 4730 4740 4750 4760  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 4770 4780 4790 4800 4810 4820 4830  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 4840 4850 4860 4870 4880 4890 4900  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 4910 4920 4930 4940 4950 4960 4970  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 4980 4990 5000 5010 5020 5030 5040  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 5050 5060 5070 5080 5090 5100 5110  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 5120 5130 5140 5150 5160 5170 5180  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 5190 5200 5210 5220 5230 5240 5250  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 5260 5270 5280 5290 5300 5310 5320  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 5330 5340 5350 5360 5370 5380 5390  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 5400 5410 5420 5430 5440 5450 5460  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 5470 5480 5490 5500 5510 5520 5530  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 5540 5550 5560 5570 5580 5590 5600  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 5610 5620 5630 5640 5650 5660 5670  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 5680 5690 5700 5710 5720 5730 5740  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 5750 5760 5770 5780 5790 5800 5810  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 5820 5830 5840 5850 5860 5870 5880  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 5890 5900 5910 5920 5930 5940 5950  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 5960 5970 5980 5990 6000 6010 6020  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 6030 6040 6050 6060 6070 6080 6090  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 6100 6110 6120 6130 6140 6150 6160  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 6170 6180 6190 6200 6210 6220 6230  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 6240 6250 6260 6270 6280 6290 6300  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 6310 6320 6330 6340 6350 6360 6370  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 6380 6390 6400 6410 6420 6430 6440  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 6450 6460 6470 6480 6490 6500 6510  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 6520 6530 6540 6550 6560 6570 6580  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 6590 6600 6610 6620 6630 6640 6650  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 6660 6670 6680 6690 6700 6710 6720  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 6730 6740 6750 6760 6770 6780 6790  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 6800 6810 6820 6830 6840 6850 6860  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 6870 6880 6890 6900 6910 6920 6930  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 6940 6950 6960 6970 6980 6990 7000  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 7010 7020 7030 7040 7050 7060 7070  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 7080 7090 7100 7110 7120 7130 7140  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 7150 7160 7170 7180 7190 7200 7210  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 7220 7230 7240 7250 7260 7270 7280  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 7290 7300 7310 7320 7330 7340 7350  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 7360 7370 7380 7390 7400 7410 7420  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 7430 7440 7450 7460 7470 7480 7490  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 7500 7510 7520 7530 7540 7550 7560  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 7570 7580 7590 7600 7610 7620 7630  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 7640 7650 7660 7670 7680 7690 7700  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 7710 7720 7730 7740 7750 7760 7770  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 7780 7790 7800 7810 7820 7830 7840  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 7850 7860 7870 7880 7890 7900 7910  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 7920 7930 7940 7950 7960 7970 7980  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 7990 8000 8010 8020 8030 8040 8050  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 8060 8070 8080 8090 8100 8110 8120  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 8130 8140 8150 8160 8170 8180 8190  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 8200 8210 8220 8230 8240 8250 8260  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 8270 8280 8290 8300 8310 8320 8330  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 8340 8350 8360 8370 8380 8390 8400  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 8410 8420 8430 8440 8450 8460 8470  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 8480 8490 8500 8510 8520 8530 8540  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 8550 8560 8570 8580 8590 8600 8610  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 8620 8630 8640 8650 8660 8670 8680  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 8690 8700 8710 8720 8730 8740 8750  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 8760 8770 8780 8790 8800 8810 8820  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 8830 8840 8850 8860 8870 8880 8890  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 8900 8910 8920 8930 8940 8950 8960  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 8970 8980 8990 9000 9010 9020 9030  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 9040 9050 9060 9070 9080 9090 9100  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 9110 9120 9130 9140 9150 9160 9170  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 9180 9190 9200 9210 9220 9230 9240  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 9250 9260 9270 9280 9290 9300 9310  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 9320 9330 9340 9350 9360 9370 9380  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 9390 9400 9410 9420 9430 9440 9450  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 9460 9470 9480 9490 9500 9510 9520  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 9530 9540 9550 9560 9570 9580 9590  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 9600 9610 9620 9630 9640 9650 9660  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 9670 9680 9690 9700 9710 9720 9730  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 9740 9750 9760 9770 9780 9790 9800  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 9810 9820 9830 9840 9850 9860 9870  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 9880 9890 9900 9910 9920 9930 9940  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 9950 9960 9970 9980 9990 10000 10010  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 10020 10030 10040 10050 10060 10070 10080  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 10090 10100 10110 10120 10130 10140 10150  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 10160 10170 10180 10190 10200 10210 10220  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 10230 10240 10250 10260 10270 10280 10290  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 10300 10310 10320 10330 10340 10350 10360  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 10370 10380 10390 10400 10410 10420 10430  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 10440 10450 10460 10470 10480 10490 10500  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 10510 10520 10530 10540 10550 10560 10570  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 10580 10590 10600 10610 10620 10630 10640  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 10650 10660 10670 10680 10690 10700 10710  
 TATGCGGAGTCCCATATTTGTTGATGCTGATGATACATAGCTCATAAGGCCAAAGGAGCAGCTGT  
 107



Sequence 3, Application US/09784340  
GENERAL INFORMATION:  
APPLICANT: WEI, Ming-Hui et al.

CTA

**THIS PAGE BLANK (USPTO)**